

Introduction à la bioinformatique (UE SSV3U15)

TP 1 : Séquence - structure - fonction

Diaporama d'accompagnement du TP

Jacques van Helden (Aix-Marseille Université)
ORCID [0000-0002-8799-8584](https://orcid.org/0000-0002-8799-8584)

Objectifs

Durant cette séance de TP, nous analyserons le lien entre séquence, structure tridimensionnelle et fonction des protéines.

Vous apprendrez à

- effectuer une requête avancée (structurée) pour sélectionner des protéines sur base d'un ou plusieurs critères combinés
- sélectionner un protéome de référence
- explorer les annotations fonctionnelles basées sur la Gene Ontology

Exemple traités durant le TP

- Transporteur de glucose de l'humain

Notions mises en pratique

- Annotation des séquences protéiques
- Éléments structurels (hélice alpha, chapine bêta)

N'oubliez pas que vous pouvez à tout moment consulter le [glossaire du cours](#) pour obtenir une définition sommaire des principaux termes utilisés.

Compétences

A l'issue de ce TP, vous devriez avoir acquis les compétences suivantes.

- Effectuer une recherche structurée dans une base de connaissances (Swiss-Prot) ou de données (Uniprot)
- Interpréter les annotations fonctionnelles d'une protéine
- Utiliser des modes de visualisation appropriés pour mettre en évidence différentes propriétés des protéines
- Etablir le lien entre annotations fonctionnelles et éléments structurels

Etapes

- Exercice 1. Recherche et annotations fonctionnelles dans Uniprot
 - Exercice 1.1 - UniprotKB
 - Exercice 1.2 - Requête naïve sur Uniprot
 - Exercice 1.3 - Requête avancée sur Uniprot
 - Exercice 1.4 - Annotations fonctionnelles sur Uniprot
- Exercice 2. Analyse de la structure des protéines
 - Exercice 2.1 Exploration de PDB
 - Exercice 2.2 Annotations du transporteur de glucose dans Uniprot
 - Exercice 2.3 Profils transcriptomiques tissulaires (sur GTEx)
 - Exercice 2.4 Structure du transporteur de glucose: Uniprot
 - Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB

Ressources bioinformatiques utilisées

Nom	URL	Description
Uniprot	https://www.uniprot.org/	Principale base de données mondiale de séquences protéiques et d'informations fonctionnelles
PDB	https://www.rcsb.org/	Protein Databank, base de données de structures protéiques
icn3D	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/icn3d/	Outil de visualisation et d'analyse des structures protéiques (NCBI)

Exercice 1.

Recherche et annotations fonctionnelles dans Uniprot

Cet exercice vise à se familiariser avec l'interface de la base de données et de connaissances **Uniprot**.

Exercice 1.1 - UniprotKB

Dans un premier temps nous allons faire une requête "naïve" en entrant "Human" dans la boîte de recherche.

- Ouvrez une connexion à Uniprot (uniprot.org)
- Cliquez **Search** en veillant à laisser la boîte de recherche vide. Ceci sélectionnera l'ensemble des entrées la base de données.

Connectez-vous à **Ametice** et répondez aux Questions
Exercice 1.1 - UniprotKB

- Dans UniprotKB, quel est l'ordre de grandeur de nombre total de protéines ?
- Dans UniprotKB, quel est l'ordre de grandeur de nombre de protéines révisées par un annotateur ?
- Dans UniprotKB, quel est l'ordre de grandeur de nombre de protéines non révisées par un annotateur ?
- Comment s'appelle la base de connaissances des protéines révisées par des annotateurs ?
- Comment s'appelle la base de données des protéines non révisées par des annotateurs ?
- Swiss-Prot est une base de données/connaissances.
- trEMBL est une base de données/connaissances.



UniProtKB 248,838,887 results

Entry	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
<input type="checkbox"/> A0A0C5B5G6	MOTSC_HUMAN	Mitochondrial-derived peptide MOTS-c[...]	MT-RNR1	Homo sapiens (Human)	16 AA
<input type="checkbox"/> A0A1B0GTW7	CIROP_HUMAN	Ciliated left-right organizer	CIROP, LMLN2	Homo sapiens (Human)	788 AA

Exercice 1.2 - Requête naïve sur Uniprot

- Dans la boîte de recherche, tapez “Human” et cliquez “Search”

Connectez-vous à Ametice et répondez aux Questions

Exercice 1.2 - Requête naïve sur Uniprot

- Combien de résultats obtenez-vous dans Swiss-Prot ?
- Combien de résultats obtenez-vous dans TrEMBL ?
- Dans la section "Popular organisms" du panneau de gauche, combien de protéines sont associées à l'humain ?
- Dans la section "Popular organisms" du panneau de gauche, quel est l'organisme le plus représenté, à part l'humain ?

UniProt BLAST Align Peptide search ID mapping SPARQL UniProtKB Human Advanced List Search

Status

- Reviewed (Swiss-Prot) (572,214)
- Unreviewed (TrEMBL) (248,266,673)

UniProtKB 248,838,887 results

Tools Download (249M) Add View: Cards Table Customize columns Share

Entry	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
-------	------------	---------------	------------	----------	--------



UniProt BLAST Align Peptide search ID mapping SPARQL UniProtKB Human Advanced List Search

Status

- Reviewed (Swiss-Prot) (52,257)
- Unreviewed (TrEMBL) (6,263,036)
- Popular organisms** (circled in red)
- Human (264,757)
- Zebrafish (44,911)
- Mouse (4,271)
- Rat (1,213)
- Bovine (541)

UniProtKB 6,315,293 results

Protein Name, Strain, Tissue, Gene Ontology, Disease, or Gene Name

Tools Download (6M) Add View: Cards Table Customize columns Share

Entry	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
<input type="checkbox"/> O95905	ECD_HUMAN	Protein ecdysoneless homolog[...]	ECD	Homo sapiens (Human)	644 AA
<input type="checkbox"/> P04439	HLAA_HUMAN	HLA class I histocompatibility antigen, A alpha chain[...]	HLA-A, HLAA	Homo sapiens (Human)	365 AA
<input type="checkbox"/> P08246	ELNE_HUMAN	Neutrophil elastase[...]	ELANE, ELA2	Homo sapiens (Human)	267 AA

Exercice 1.3 - Requête avancée sur Uniprot

Nous avons vu ci-dessus qu'une **requête naïve** peut s'avérer trompeuse, car elle retourne toutes les entrées d'Uniprot qui contiennent les termes de la boîte de recherche, sans tenir compte de l'endroit où ces termes apparaissent dans les annotations. On peut donc se retrouver avec des tas de protéines non-humaines, qui sont sélectionnées parce que le mot "Human" apparaît dans l'un ou l'autre champ (par exemple "similar to Human ...").

Nous recommandons donc fortement d'éviter cela, et de recourir systématiquement aux **requêtes avancées**.

- Revenez à la [page d'accueil](#) en cliquant sur l'icône "UniprotKB" en haut à gauche.
- Dans la boîte "Find your protein", cliquez le lien "Advanced".
- Les boîtes bleues vous permettent de restreindre votre recherche à un ou plusieurs champs particulier.
 - Cliquez sur la première boîte bleue, et sélectionnez "**Organism [OS]**", puis tapez "**Homo sapiens**" dans la boîte de recherche.
 - Un menu déroulant apparaît avec les différentes possibilités pour Homo sapiens
 - Choisissez la première option ("**Homo sapiens (Human/Man) [9606]**")
- Lancez la recherche en cliquant sur "**Search**"



Info: 9606 est l'identifiant taxonomique de l'espèce *Homo sapiens* dans la base de données taxonomique de référence, qui est gérée par le NCBI. Vous pouvez consulter les informations associées en cherchant "Homo sapiens" sur www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/

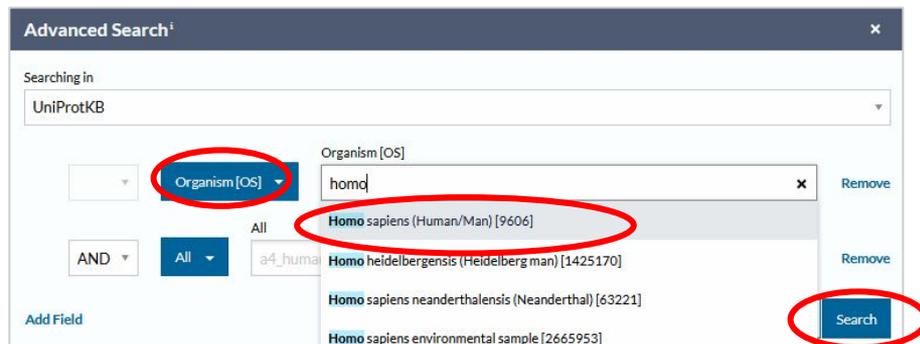
On notera que ce taxon inclut deux variétés fossiles

- *Homo sapiens neanderthalensis*
- *Homo sapiens subsp. 'Denisova'*

Exercice 1.3 - Requête avancée sur Uniprot

Répondez aux Questions **Exercice 1.3 - Requête structurée sur Uniprot** sur Ametice

- Combien de résultats obtenez-vous à l'aide de recherche structurée (organism_id:9606) ?
- Obtenez-vous des séquences non humaines ?



Info: 9606 est l'identifiant taxonomique de l'espèce *Homo sapiens* dans la base de données taxonomique de référence, qui est gérée par le NCBI. Vous pouvez consulter les informations associées en cherchant "Homo sapiens" sur www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/

On notera que ce taxon inclut deux variétés fossiles

- *Homo sapiens neanderthalensis*
- *Homo sapiens subsp. 'Denisova'*

Exercice 1.4 - Annotations fonctionnelles sur Uniprot

Nous allons maintenant sélectionner les protéines humaines annotées, et explorer leurs annotations fonctionnelles.

- Sur la page de résultats des séquences humaines, cliquez sur **“Reviewed (Swiss-Prot)”** dans le panneau de gauche pour n’afficher que des séquences de Swiss-Prot.
- Dans la section **“Group by”** du panneau de gauche, cliquez **“Gene Ontology”**. Ceci vous affiche, parmi les protéines humaines dans Swiss-Prot, le nombre de celles pour lesquelles on dispose d’annotation dans les trois catégories de la Gene Ontology:
 - 17.554 biological_process
 - 18.814 cellular_component
 - 16.065 molecular_function
- Les triangles à gauche de chaque nombre permettent de déployer le niveau suivant de la classification hiérarchique des termes de l’ontologie. Cliquez sur le triangle à gauche de **“biological process”** pour afficher ses sous-catégories.

UniProtKB 204,957 results

Entry	Entry Name	Protein Names	Gene Names	Organism	Length
<input type="checkbox"/> A0A0C5B5G6	MOTSC_HUMAN	Mitochondrial-derived peptide MOTS-c[...]	MT-RNR1	Homo sapiens (Human)	16 AA
<input type="checkbox"/> A0A1B0GTW7	CIROP_HUMAN	Ciliated left-right organizer metalloproteinase[...]	CIROP, LMLN2	Homo sapiens (Human)	788 AA
<input type="checkbox"/> A0JNW5	BLT3B_HUMAN	Bridge-like lipid transfer protein family member 3B[...]	BLTP3B, KIAA0701, SHIP164, UHRF1BP1L	Homo sapiens (Human)	1,464 AA
<input type="checkbox"/> A0JP26	POTB3_HUMAN	POTE ankyrin domain family member B3	POTEB3	Homo sapiens (Human)	581 AA



UniProtKB 20,428 results

Group by Gene Ontology

Search for Gene Ontology

Enter Gene Ontology name or ID

UniProtKB Entries	Gene Ontology	Top level
▶ 17,554	biological_process	33%
▶ 18,814	cellular_component	36%
▶ 16,065	molecular_function	31%

Exercice 1.4 - Annotations fonctionnelles sur Uniprot

Les triangles à gauche de chaque nombre permettent de déployer le niveau suivant de la classification hiérarchique de l'ontologie.

- Cliquez sur le triangle à gauche de **“biological process”** pour afficher ses sous-catégories.

Notes

- La somme des nombres des sous-catégories dépasse de loin la taille de la catégorie parente (biological process). Ceci est logique, car une même protéine peut appartenir à plusieurs classes simultanément. Par exemple, une protéine pourrait être impliquée dans la régulation biologique (12.137 protéines) et plus précisément la régulation biologique positive (6.210 protéines) d'un processus de développement (5.707 protéines). Cette protéine sera donc comptée 3 fois à ce niveau de la classification.
- Les résultats observés datent de 22 novembre 2024. Les nombres changent continuellement. Nous tenons compte de ces modifications dans le questionnaire.

Répondez aux Questions **Exercice 1.4 - Annotations fonctionnelles sur Uniprot** sur Ametice

- Quelle est la catégorie la plus fréquente de la fonction moléculaire parmi les séquences humaines de Swiss-Prot ?
- Parmi les fonctions moléculaires ci-dessous, quelles sont les sous-catégories de l'activité transporteur (transporter activity) ?
 - lipid transporter activity
 - protein transporter activity
 - transporter complex
 - transporter regulator activity

UniProtKB 20,428 results

Group by Gene Ontology

Search for Gene Ontology

Enter Gene Ontology name or ID

UniProtKB Entries	Gene Ontology	Percentage
20,428	Top level	
17,554	biological_process	33%
18,814	cellular_component	36%
16,065	molecular_function	31%

UniProtKB Entries: 20,428

Gene Ontology: Top level

UniProtKB Entries	Gene Ontology	Percentage
17,554	biological_process	33%
1,552	biological process involved in interspecies interaction between organisms	
55	biological process involved in intraspecies interaction between organisms	
12,137	biological regulation	
14,663	cellular process	
144	detoxification	
5,707	developmental process	
430	growth	
1,445	homeostatic process	
2,305	immune system process	
4,506	localization	
364	locomotion	
6,243	multicellular organismal process	
5,205	negative regulation of biological process	
107	pigmentation	
6,210	positive regulation of biological process	
11,733	regulation of biological process	
1,509	reproductive process	
8,074	response to stimulus	
271	rhythmic process	
276	viral process	
18,814	cellular_component	36%
16,065	molecular_function	31%

Exercice 2.

Analyse de la structure des protéines

Nous allons maintenant combiner les informations de Swiss-Prot et de la Protein Data Bank (PDB) pour étudier quelques cas illustratifs de relations entre la séquence, la structure et fonction des protéines.

Exercice 2.1 Exploration de PDB

Nous commençons cet exercice par explorer sommairement l'interface usager de [Protein Data Bank](https://www.rcsb.org), la base de données de référence pour les structures tridimensionnelles des protéines.

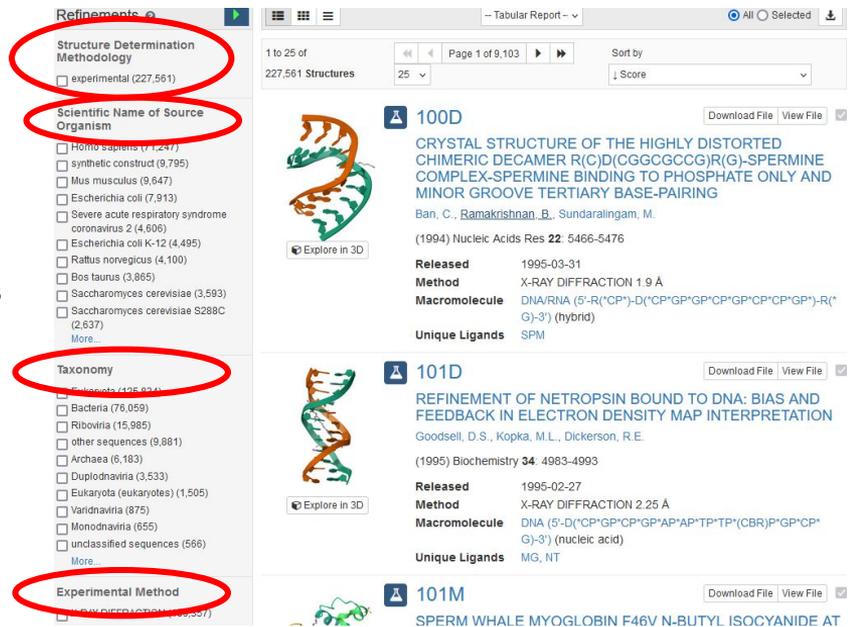
- Ouvrez une connexion à PDB (www.rcsb.org)
- En haut à gauche de la fenêtre, la page web affiche le nombre total de structures expérimentales (**Structures from the PDB**), et le nombre total de modèles prédits (**Computed Structure Models (CSM)**).
- En cliquant sur le nombre de structures expérimentales affiché en haut de la page d'accueil, vous pourrez observer la répartition de ces structures.
- Observez le nombre de structures expérimentales caractérisées par organisme, groupe taxonomique, méthode expérimentale

The screenshot displays the RCSB PDB website. At the top, navigation menus include Deposit, Search, Visualize, Analyze, Download, Learn, About, Careers, and COVID-19. The main header shows '227,561 Structures from the PDB' and '1,068,577 Computed Structure Models (CSM)', both circled in red. A search bar is present with a search icon and a 'Help' link. Below the header, there are logos for PDB-101, PDB, EMDataResource, NAKB, wwPDB Foundation, and PDB-Dev. A large downward arrow points to a detailed view of search results. On the left, a 'Refinements' sidebar is visible, with 'Structure Determination Methodology', 'Scientific Name of Source Organism', 'Taxonomy', and 'Experimental Method' sections circled in red. The main content area shows a list of structures, with the first two entries, 100D and 101D, highlighted. Entry 100D is titled 'CRYSTAL STRUCTURE OF THE HIGHLY DISTORTED CHIMERIC DECAMER R(C)D(C)GGCGCG(R)G-SPERMINE COMPLEX-SPERMINE BINDING TO PHOSPHATE ONLY AND MINOR GROOVE TERTIARY BASE-PAIRING'. Entry 101D is titled 'REFINEMENT OF NETROPSIN BOUND TO DNA: BIAS AND FEEDBACK IN ELECTRON DENSITY MAP INTERPRETATION'. Each entry includes a 3D model icon, a title, authors, journal information, and release details.

Exercice 2.1 Exploration de PDB

Répondez aux questions **Exercice 2.1 - Exploration de PDB** sur Ametice

1. Combien de structures (expérimentales) contient PDB ?
2. Quel est l'organisme le plus représenté dans PDB pour les structures expérimentales ?
3. Dans PDB, quel est le groupe taxonomique le plus représenté pour les structures expérimentales ?
4. PDB contient d'autres types de macromolécules que les protéines. Citez l'un d'eux.
5. Dans PDB, Quelle est la méthode la plus utilisée pour caractériser les structures expérimentales ?
6. Combien de modèles de structures prédits contient PDB ?
7. Quelle est la méthode la plus utilisée pour les structures prédites ?
8. Quel est l'organisme le plus représenté dans PDB pour les modèles prédits ?
9. Dans PDB, quel est le groupe taxonomique le plus représenté pour les modèles prédits ?



Cas d'étude: Transporteur de glucose de l'humain

Pour les exercices suivants, nous allons nous concentrer sur un cas d'étude : le transporteur de glucose de l'humain. Nous commencerons par analyser les annotations fonctionnelles de cette protéine sur Uniprot, et nous utiliserons ensuite les outils de PDB (Protein Data Bank) pour analyser le lien entre les différents domaines topologiques de sa séquence et sa structure tridimensionnelle.

Exercice 2.2 Annotations du transporteur de glucose dans Uniprot

- Dans [Uniprot](#), ouvrez la fiche de la protéine dénommée “Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1” (identifiant [GTR1_HUMAN](#))
- Consultez la section “**Subcellular location**”.

Répondez aux questions **Exercice 2.2 - Annotations du transporteur de glucose dans Uniprot** sur Ametice.

1. Quelle est la localisation sous-cellulaire principale de cette protéine ?
2. Combien y a-t-il de domaines transmembranaires annotés dans la section "Features" ?
 - Astuce: cliquez sur **Expand Table** pour les afficher tous
3. Quel est le type des éléments de structure des domaines transmembranaires du transporteur de glucose ?
4. Combien y a-t-il d'autres domaines topologiques annotés dans la sous-section "Features" de "Subcellular location" ?
5. Combien y a-t-il de domaines cytoplasmiques dans le transporteur du glucose ?
6. Combien y a-t-il de domaines extracellulaires dans le transporteur du glucose ?
7. Quels sont les types de pathologies associés aux mutations de cette protéine ?
 - Astuce: consultez la section "**Diseases and variants**"

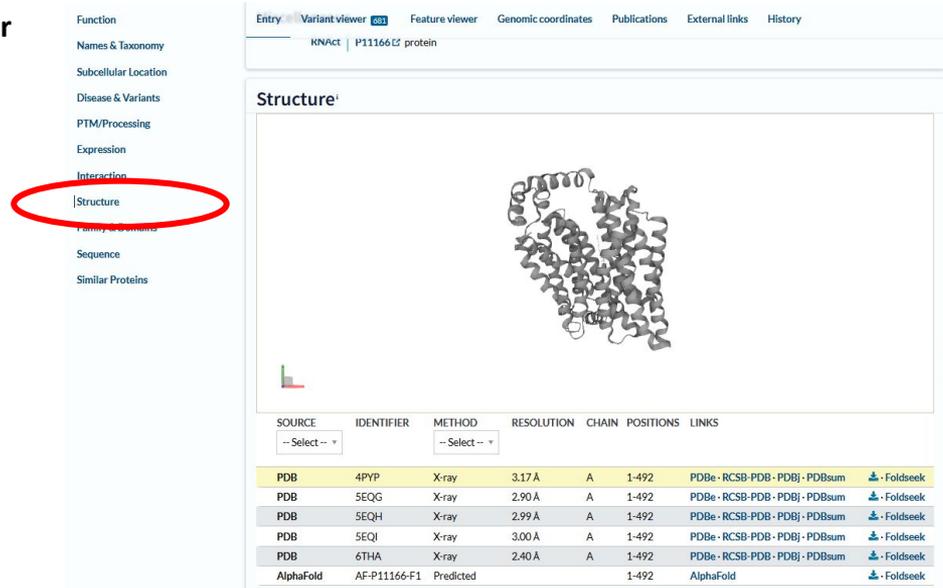
The image shows a screenshot of the UniProt database interface. The top navigation bar includes UniProt logo, BLAST, Align, Peptide search, ID mapping, SPARQL, and UniProtKB. The left sidebar contains a list of categories: Function, Names & Taxonomy, **Subcellular Location** (highlighted with a red circle), Disease & Variants, PTM/Processing, Expression, Interaction, Structure, Family & Domains, Sequence, and Similar Proteins. The main content area displays the 'Subcellular Location' section for the protein GTR1_HUMAN. It includes tabs for 'UniProt Annotation' and 'GO Annotation'. Below the tabs is a detailed diagram of a cell with various organelles labeled, including the nucleus, mitochondria, Golgi apparatus, and endoplasmic reticulum. The diagram shows the protein's localization within the cell, with labels for 'CYTOSOL', 'ER', 'MITOCHONDRION', and 'NUCLEUS'.

Exercice 2.4 Structure du transporteur de glucose: Uniprot

- Revenez à la page de cette protéine ([GTR1_HUMAN](#)) dans **Uniprot** et consultez la section "**Structure**".

Répondez aux questions **Exercice 2.4 - Structure du transporteur de glucose humain : Uniprot** sur Ametice.

- Combien y a-t-il de structures disponibles ?
- Combien y a-t-il de structures caractérisées expérimentalement ?
- Par quelle(s) méthode(s) expérimentale(s) ont-elles été caractérisées ?
- Quelle est la meilleure résolution (en Angstroms) ?



Function
Names & Taxonomy
Subcellular Location
Disease & Variants
PTM/Processing
Expression
Interaction
Structure
Family & Domains
Sequence
Similar Proteins

Entry Variant viewer **P11166** protein

Structure



SOURCE	IDENTIFIER	METHOD	RESOLUTION	CHAIN	POSITIONS	LINKS
PDB	4PYP	X-ray	3.17 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBJ · PDBsum · Foldseek
PDB	5EQG	X-ray	2.90 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBJ · PDBsum · Foldseek
PDB	5EQH	X-ray	2.99 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBJ · PDBsum · Foldseek
PDB	5EQI	X-ray	3.00 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBJ · PDBsum · Foldseek
PDB	6THA	X-ray	2.40 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBJ · PDBsum · Foldseek
AlphaFold	AF-P11166-F1	Predicted			1-492	AlphaFold · Foldseek

Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB

Dans la section suivante, nous utiliserons la base de données [PDB](#) pour visualiser la structure du transporteur du glucose et analyser la relation entre séquence et structure. Conservez toutefois l'onglet **Uniprot** ouvert, nous serons amenés à faire des aller-retours entre PDB et Uniprot.

Vous pouvez consulter une démonstration de l'utilisation de PDB sur [AMUpod](#).

- Dans **Uniprot**, cliquez sur le lien "**RCSC-PDB**" de la structure avec la meilleure résolution (**6THA**). Ceci ouvre un nouvel onglet vers le serveur RCSB-PDB.
- Consultez rapidement les annotations de la structure intitulée **6THA** sur le serveur RCSB-PDB. Évaluez les types d'informations disponibles. Notez que la page propose une série d'onglets avec différents types d'information (Structure, Annotations, Experiment, Sequence, Genome, Ligands, Versions). Dans ce tutoriel, nous combinerons les informations de séquence et de structure.

SOURCE	IDENTIFIER	METHOD	RESOLUTION	CHAIN	POSITIONS	LINKS
PDB	4PYP	X-ray	3.17 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBj · PDBsum Foldseek
PDB	5EQG	X-ray	2.90 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBj · PDBsum Foldseek
PDB	5EQH	X-ray	2.99 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBj · PDBsum Foldseek
PDB	5EQI	X-ray	3.00 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBj · PDBsum Foldseek
PDB	6THA	X-ray	2.40 Å	A	1-492	PDBe · RCSB-PDB · PDBj · PDBsum Foldseek
AlphaFold	AF-P11166-F1	Predicted			1-492	AlphaFold Foldseek

RCSB PDB
227,561 Structures from the PDB
1,068,577 Computed Structure Models (CSM)

Enter search term(s), Entry ID(s), or sequenc Include CSM

Advanced Search | Browse Annotations Help

PDB-101 PDB EMDataResource NAKB wwPDB Foundation PDB-Dev

Structure Summary Structure Annotations Experiment Sequence Genome Ligands Versions

Biological Assembly 1

6THA

Crystal structure of human sugar transporter GLUT1 (SLC2A1) in the inward conformation

PDB DOI: <https://doi.org/10.2210/pdb6THA/pdb>

Classification: **MEMBRANE PROTEIN**

Organism(s): Homo sapiens

Expression System: Saccharomyces cerevisiae

Mutation(s): No

Membrane Protein: Yes

Deposited: 2019-11-19 Released: 2020-11-25

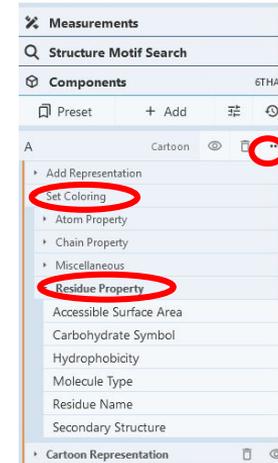
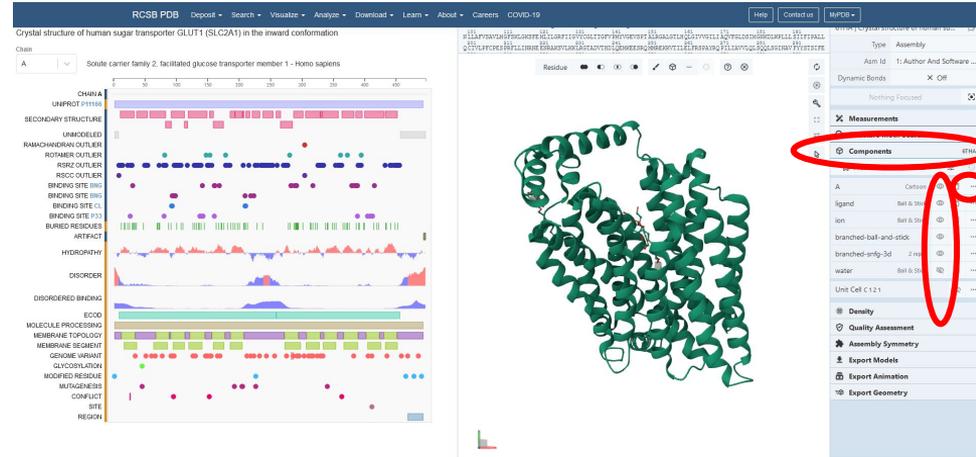
Deposition Author(s): Pedersen, B.P., Paulsen, P.A., Custodio, T.F.

Funding Organization(s): Danish Council for Independent Research, European Research Council, Other private

Experimental Data Snapshot wwPDB Validation

Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB

- Vous pouvez déplacer la limite verticale entre le panneau d'annotation et celui de structure pour qu'ils occupent chacun la moitié de l'écran (sans compter le panneau d'outils).
- Dans la section "**Components**" de la boîte à outils, masquez les molécules d'eau et les ions en cliquant sur l'**oeil**. Testez également l'effet de l'affichage / masquage des autres composants de la structure, puis veillez à réactiver leur affichage.
- Nous allons maintenant colorer la protéine pour mettre en évidence ses éléments de structure.
- A côté de la composante "A", cliquez l'icône "..." pour afficher les options de représentation de la protéine. Ceci propose un menu avec de différents sous-menus, pour changer par exemple la coloration ou le type de représentation.
- Testez des modes alternatifs de représentation au niveau des propriétés des résidus et interprétez ce que vous voyez.
- L'affichage par défaut se fait au niveau de la chaîne polypeptidique, ce qui peut être intéressant pour des complexes protéiques ou protéine-ADN, mais n'est pas très illustratif quand on visualise une protéine composée d'une seule chaîne polypeptidique, ce qui est notre cas.
- Retenez la coloration "**Sequence ID**" (**Set coloring => Residue Property => Sequence ID**), qui assigne une couleur différente à chaque élément structurel, selon un gradient du bleu au rouge.



Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB

- Après avoir personnalisé l'affichage des éléments de structure, nous allons sélectionner différents segments annotés de la protéine (panneau de gauche), et les localiser sur la structure tridimensionnelle (panneau de droite).
- Cliquez successivement sur les segments de la piste d'annotation "**Membrane topology**" et identifiez les éléments structuraux (hélices alpha, feuillets beta) correspondants.
- Explorez en particulier les éléments structuraux (rectangles roses sur la piste "**Secondary structure**").
- Quand vous cliquez sur un élément, l'affichage de la structure est recadré sur cet élément, dans le panneau de droite, et le segment de séquence correspondant est marqué dans la partie supérieure du panneau de droite.
- Pour voir l'élément dans le contexte global de la protéine, utilisez les options Reset Zoom. Faites tourner la structure pour afficher au mieux les segments que vous sélectionnez successivement. Vous pouvez à tout moment revenir à la position initiale avec la fonction Reset Axes.



Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB

Répondez aux questions **Exercice 2.5 Structure du transporteur de glucose: PDB** sur Ametice.

- Dans la position initiale de la structure (obtenue après avoir cliqué **Reset Axes**), les segments cytoplasmiques sont-ils situés
 - en haut
 - à gauche
 - à droite
 - en bas
- Dans la position initiale de la structure (obtenue après avoir cliqué **Reset Axes**), les segments extracellulaires sont-ils situés
 - en haut
 - à gauche
 - à droite
 - en bas
- Dans la position initiale de la structure (obtenue après avoir cliqué **Reset Axes**), les segments transmembranaires sont-ils orientés
 - perpendiculairement à l'écran
 - horizontalement
 - verticalement
- Quel est le type d'élément structurel associé aux segments transmembranaires ?
 - boucles
 - feuillet bêta
 - hélices alpha
- Quels sont les types d'éléments structurels associés au plus grand segment cytoplasmique ?
 - feuillet bêta
 - hélices alpha
 - boucles

- Au terme de ce TP, vous devriez avoir acquis les connaissances suivantes
 - Structure et contenu d'UNIPROT
 - Structure et contenu de PDB (Protein Data Bank)
- Vous aurez également acquis les compétences suivantes
 - Faire des recherches structurées dans une base de données
 - Relier des informations dans différentes bases de données
 - Visualiser des structures protéiques dans PDB